



**HAL**  
open science

## Exploration du génome du peuplier noir : identification de variations structurales

Romane Guilbaud, Véronique Jorge, Odile Rogier, Leopoldo Sanchez Rodriguez, Patricia Faivre-Rampant, Harold Duruffé

► **To cite this version:**

Romane Guilbaud, Véronique Jorge, Odile Rogier, Leopoldo Sanchez Rodriguez, Patricia Faivre-Rampant, et al.. Exploration du génome du peuplier noir : identification de variations structurales. 1. colloque INRAE Genomics, May 2022, Orléans, France. . hal-03937688

**HAL Id: hal-03937688**

**<https://hal.inrae.fr/hal-03937688v1>**

Submitted on 13 Jan 2023

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

# Exploration du génome du peuplier noir: identification de variations structurales

Romane Guillbaud, Odile Rogier, Veronique Jorge, Harold Durufle, Leopoldo Sanchez, Patricia Faivre Rampant

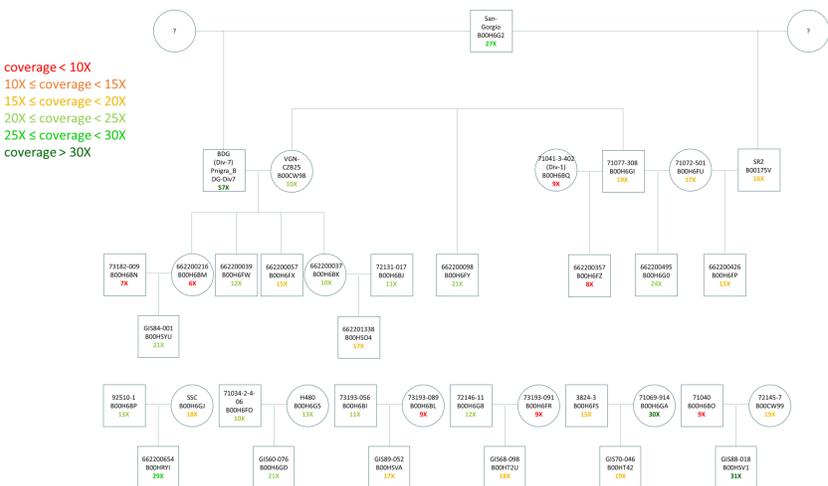
Les variations structurales (SVs) sont des réarrangements génomiques de plus de 50 pb, incluant les insertions, délétions, duplications et inversions.

Ces variations sont très étudiées chez de nombreuses espèces car elles sont en lien avec certaines maladies ou la variation de caractères d'intérêt. Avec l'accessibilité du réséquençage pour de nombreuses espèces végétales, dont les arbres, de plus en plus d'études sur les SVs sont réalisées et rendent accessibles de nombreux outils bioinformatiques pour leur détection.

L'objectif premier de cette étude est d'établir un catalogue de SVs chez le peuplier noir, *Populus nigra*, en exploitant l'information apportée par notre matériel structuré en trios.

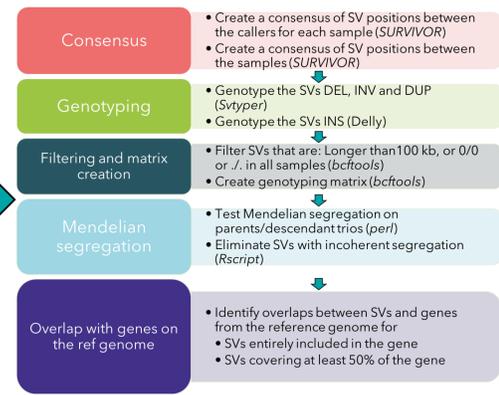
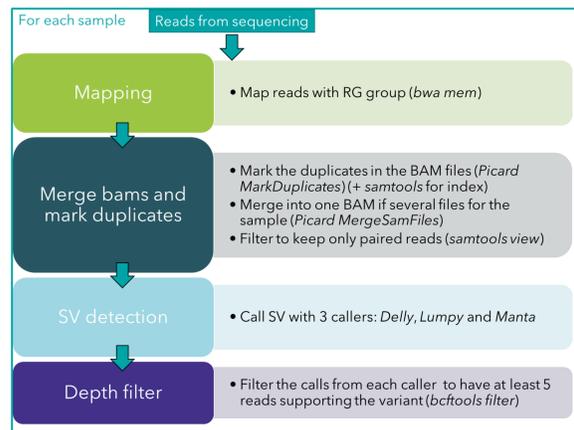
## Matériel

- 37 individus, organisés en 7 familles divisibles en 16 trios parents-descendant
- Séquencés en short reads Illumina de 100 à 150 bp à des profondeurs variables (9X à 57X)

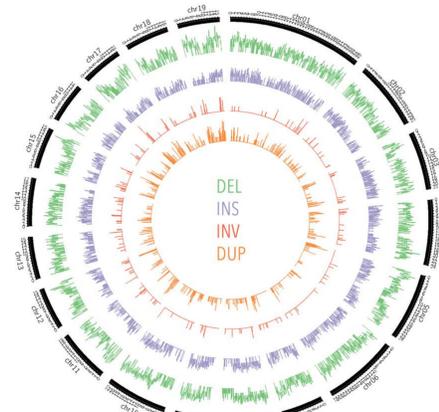
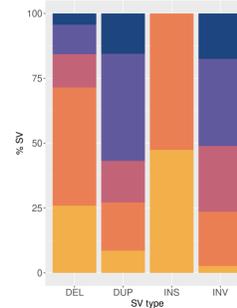
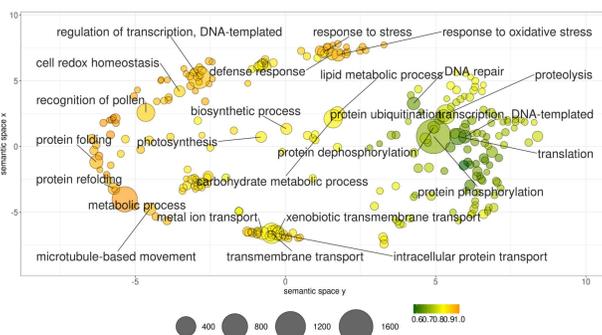
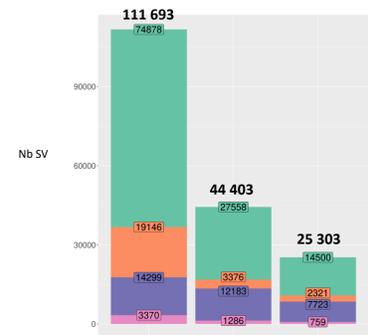


## Méthodes

- Mise en place d'un pipeline de découverte et de génotypage des SVs
- Test de ségrégation mendélienne et sélection des SVs
- Génome de référence utilisé: *Populus trichocarpa* Nisqually V4



## 25 303 SVs co-localisent avec 19 578 gènes



## Nombre et types de SVs

- Filtered SVs: SVs après génotypage et filtres
- Coherent SVs: conformes à la ségrégation mendélienne
- SVs in genes: SVs se trouvant dans les gènes (+/- 2000 pb)

## Identification des termes GO associés aux gènes co-localisant avec les SVs

- La taille des cercles correspond au nombre de fois où le terme GO est associé à un SV
- La couleur correspond à l'unicité du terme au sein de la liste des termes GO

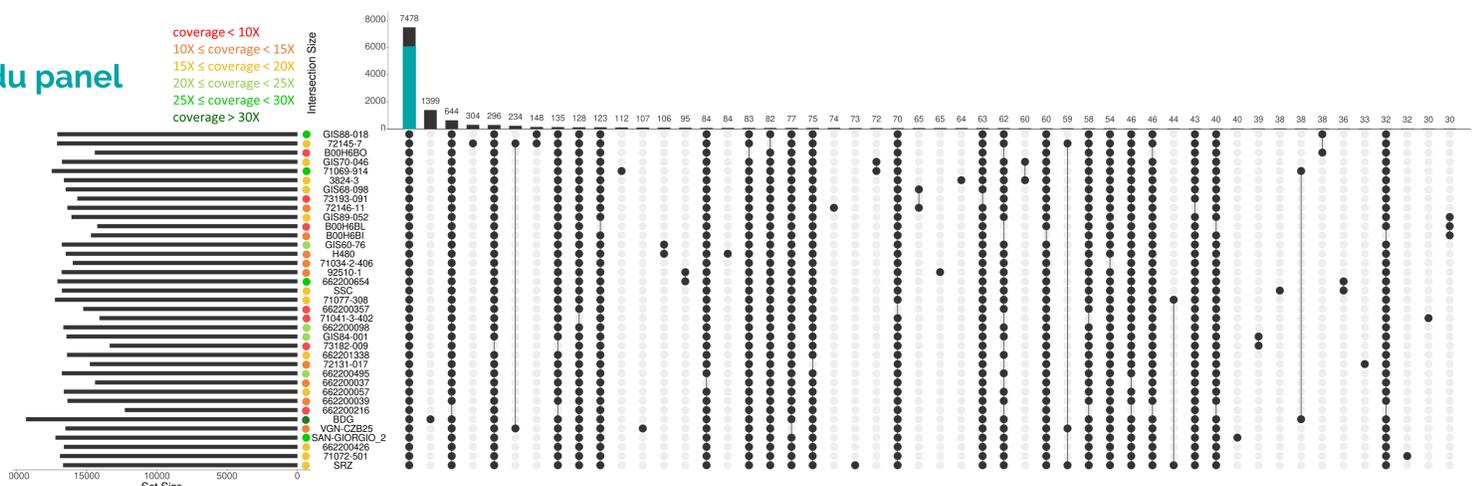
## Pourcentage des SVs cohérents associés aux gènes en fonction de leur taille et de leur type

Localisation des SVs sur le génome de *P.trichocarpa* Nisqually v4  
Les courbes représentent le log du nombre de SVs par fenêtre de 100 kb

## Présence des SVs dans les individus du panel

- 15 556 SVs (53,6 %) sont retrouvés chez au moins 30 individus
- 6 579 SVs (26 %) sont retrouvés chez moins de 7 individus
- 5 168 SVs (20,4 %) sont retrouvés chez 7 à 29 individus

6 307 SVs sont partagés par tous les individus avec un génotype homozygote alternatif (■), ce qui correspond à des variations interspécifiques entre *P. trichocarpa* et *P. nigra*



## Conclusions:

- Bonne performance de l'analyse en trios pour dresser un catalogue de SVs
- 19 578 / 41 335 gènes sont affectés par des SVs
- Les SVs sont répartis de manière non uniforme sur le génome

## Perspectives:

- Utilisation d'un génome de référence *P. nigra*
- Comparaison *P. trichocarpa* vs *P. nigra*
- Etude de l'impact des SVs sur la recombinaison
- Co-localisation SVs/phénotypes



INRAE - Unité EPGV US1279  
CEA - Institut de biologie François Jacob  
Site d'Evry - Bat G1  
2 rue Gaston Crémieux  
91057 - Evry Cedex  
France  
support-epgv@inrae.fr

<https://www6.versailles-grignon.inrae.fr/epgv>